第40卷 第2期
2023年2月

干 旱 区 研 究
ARID ZONE RESEARCH

Vol. 40 No. 2
Feb. 2023

# 放牧对沙地樟子松林土壤养分及微生物群落的影响

张 彤[1,2]， 刘 静[1,2]， 韩 叙[1,2]， 童郁强[1,2]， 魏亚伟[1,2]

（1. 沈阳农业大学林学院，辽宁 沈阳 110866；
2. 辽宁辽河平原森林生态系统国家定位观测研究站，辽宁 昌图 112500）

**摘 要：**为探究放牧对土壤养分和微生物群落的影响，本研究分别选取了放牧和围封沙地樟子松林为研究对象，基于高通量测序技术，并测定土壤化学指标，分析放牧与围封土壤中养分、微生物群落组成以及多样性的差异。研究结果显示：(1) 放牧后全磷含量显著降低($P<0.05$)，土壤有机碳和全氮含量也降低，但差异并不显著($P>0.05$)。(2) 从土壤微生物群落组成上来看，真菌分类学门水平中担子菌门比例放牧显著低于围封($P<0.05$)，但对细菌门水平并未产生显著影响($P>0.05$)。(3) 就土壤微生物多样性而言，放牧极显著降低了细菌的Chao1指数和Shannon指数($P<0.01$)，对真菌群落多样性无明显影响($P>0.05$)，可见，放牧对土壤细菌多样性指数的影响较真菌更大。综上所述，沙地樟子松林的放牧行为对土壤养分及土壤微生物均有不同程度的负面影响，所以该地区应适度减少放牧行为，缓解土地压力，以保障樟子松人工林的可持续利用。

**关键词：**沙地樟子松；放牧；土壤养分；土壤微生物

我国辽西北属农牧交错区，是防沙治沙工程的重点治理区，也是三北防护林的重要组成部分。近几十年来，该地区营造了大面积人工林，在生态修复中起着重要的作用。樟子松(*Pinus sylvestris* var. *Mongolica*)耐寒性强，适应能力强，在土地贫瘠且较干旱的沙地也能生长良好，可以很好的起到防风固沙作用[1]，是辽西北地区的主要人工造林树种之一，在生产生活以及该地区的森林资源利用上均起到了关键作用。然而该地区存在大量的放牧行为和人为破坏，对该地区的土壤产生了一定程度的影响。

土壤微生物参与森林生态系统的关键过程，包括有机质分解和养分循环、土壤结构形成和生物多样性调节，可以保持土壤健康，稳定土壤的生产力[2]。很多生物与非生物因素均会影响微生物的组成和多样性，例如土壤湿度、土壤pH、有机碳含量、植被覆盖、土地利用和生态系统干扰[3-4]。由于研究手段和方法有限，以往大多侧重于微生物量的研究[5]。微生物多样性可以有效提升微生物的功能性并保证生态系统可以稳定发展[6]。近年来，随着生物分析技术不断的进步，除了物种组成上，从功能及遗传的多样性开展了一系列探究，对微生物多样性研究进一步加深[7]。土壤中最敏感的是土壤微生物，生态环境发生改变时可以较早的被其反映出来，因此可以指示土壤的质量[8]。国内外学者针对不同的土地管理方式对土壤微生物的影响开展了大量研究，研究发现，管理方式的不同会对微生物产生不同的影响[9-11]。例如，丁成翔等[9]针对青藏高原开展了一系列的研究，结果发现放牧使真菌担子菌门的相对丰度显著降低，对细菌群落组成无明显影响；对多样性指数的影响细菌比真菌更大。杨阳等[10]的研究发现，放牧对细菌Simpson指数影响显著，但对真菌多样性指数的影响并不明显。微生物通过分解和转化有机质来维持土壤养分的循环，同时土壤养分也会反作用于微生物。放牧中牲畜的啃食、排泄与人为的践踏会使土壤养分发生变化。由于土壤系统的复杂性、草地类型的多样性以及放牧方式的不同等，放牧对土壤养分的影响一直没有

**收稿日期：**2022-07-04； **修订日期：**2022-10-21
**基金项目：**中国科学院战略性先导科技专项(XDA23070103)；国家林业和草原局林草科技创新平台运行补助项目“辽宁辽河平原森林生态系统国家定位观测研究站运行补助”(2020132029,2021132053)
**作者简介：**张彤(1997-)，女，硕士研究生，主要从事森林土壤研究. E-mail: 1220808962@qq.com
**通讯作者：**魏亚伟. E-mail: ywei@syau.edu.cn

统一的结论。高昌宇等[11]的研究表明，短期放牧不会显著影响土壤养分的循环过程以及土壤微生物结构和功能。马香云等[12]的研究显示，放牧会在一定程度上增加土壤有机碳、氮含量，而祁正超等[13]的研究结果则表明，放牧会降低荒漠灌丛草地土壤有机碳和全氮含量。综上所述，由于不同地区环境条件存在差异，放牧对土壤养分的影响也不同。以往各地区对于土壤微生物及养分的研究多为草地，针对沙地人工林的研究较为少见。因此，深入探讨放牧对沙地樟子松人工林土壤养分及土壤微生物的影响，以便指导人们因地制宜地管理该地区生态系统。

辽西北地区是三北防护林的重要组成部分，然而近年来该地区人工林中放牧活动逐渐增多，给人工林的发展造成了一定影响，因此本研究选取辽西北的沙地樟子松人工林为研究对象，探讨放牧和围封下土壤微生物群落结构和多样性以及土壤养分的差异，以期为该地区樟子松人工林的可持续管理提供参考。

## 1　材料与方法

### 1.1　研究区概况

试验样地设置在辽宁辽河平原森林生态系统定位研究站（43°23′23″~43°3′23″N，123°38′52″~124°6′20″E）。研究区域属温带半湿润半干旱大陆性季风气候，最高气温35.6 ℃，最低气温−32 ℃，日平均气温6.4 ℃，10 ℃以上年积温3218 ℃。年降水量450~550 mm，降水大多集中在7—8月，年均蒸发量1843 mm，是降水量的3~4倍，相对湿度59%。早霜期在9月底或10月初，晚霜期在4月中下旬，无霜期145~150 d。土壤pH值在6.0~7.0之间，多为风沙土。植被群落以樟子松（*Pinus sylvestris* var. *Mongolica*）和杨树（*Populus×canadensis*）防风固沙林为主，其中樟子松人工林面积最大，已达5486 $hm^2$。该地区的原生植被为少量的草本和木本，如糙隐子草（*Cleistogenes squarrosa*）、狗尾巴草（*Setaria viridis*）、紫穗槐（*Amorpha fruticosa*）和黄柳（*Salix gordejevii*）等。

### 1.2　土壤样品的采集与处理

于2014年选取植被长势均匀、立地条件基本一致的樟子松人工林作为试验样地（表1），在围封(CK)样地边界处设置围栏，使围封样地内樟子松在没有任何干扰的情况下生长；放牧样地则不设置任何围栏，允许放牧行为和一切人为干扰。在放牧（G）和围封(CK)的样地内各设置3块20 m×20 m的样方，各样方之间间隔≥50 m。2021年8月在放牧和围封各3个样方内利用土钻对表层（0~10 cm）土壤进行取样，每样方设置6~8个采样点，用四分法混合后分成2份，分别装入无菌自封袋中，做好标记后密封带回实验室。用于测定土壤养分的样品在实验室内挑出细根和杂质，风干后研碎，过2 mm网筛。用于测定微生物群落的土壤样品，去除细根，碎石等杂质，过80或100目筛，放入2 mL离心管于−80 ℃冰箱冷冻保存。

### 1.3　测定方法

土壤有机碳含量采用重铬酸钾外加热法测定；土壤有效磷含量使用紫外分光光度计测定；土壤中全氮、铵态氮、硝态氮和全磷含量使用AA3流动分析仪测定。土壤微生物群落通过illumina MiSeq高通量测序技术进行测定。真菌的测序区为ITS rRNA的V1区，正向引物：GGAAGTAAAAGTCGTA-ACAAGG，反向引物：GCTGCGTTCTTCATCGATGC；细菌的测序区为16s rRNA的V3＋V4区，正向引物：ACTCCTACGGGAGGCAGCA，反向引物：GGAC-TACHVGGGTWTCTAAT。真菌和细菌使用同一份土壤样品进行测序。

表1　样地基本概况

Tab. 1　Basic profile of the plot

| 处理 | 样地类型 | 林龄/a | 土层厚度/cm | 郁闭度 | 林分密度/(株·$hm^2$) | 平均高度/m | 干扰方式 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 放牧（G） | 樟子松人工林 *Pinus sylvestris* var. *Mongolica* | 50 | 65.00 | 0.70 | 275 | 14.10 | 放牧，踩踏 |
| 围封（CK） | 樟子松人工林 *Pinus sylvestris* var. *Mongolica* | 50 | 65.00 | 0.70 | 270 | 14.50 | 无人为干扰 |

### 1.4 数据分析

土壤养分数据使用Excel 2013进行处理，使用SPSS 22.0进行独立样本 *T* 检验分析，数据为平均值±标准差。采用Bray距离来分析放牧与围封土壤间群落结构的差异，并通过非度量多维尺度(NMDS)进行可视化。采用Canoco5中的冗余分析(RDA)来研究土壤养分与真菌和细菌群落多样性指数的相关性。

## 2 结果与分析

### 2.1 放牧对土壤微生物群落的影响

2.1.1 *放牧与围封土壤微生物的OTU数* 表2对平均丰度大于1的所有OTUs进行了韦恩分析，可以看出，对于土壤真菌围封样地获得的OTUs有1451条，放牧样地获得929条，放牧与围封共有的OTUs有585条。土壤细菌围封样地获得14388条，放牧样地获得10597条，放牧与围封共有4272条。2种处理的相似度为17.1%~24.6%。放牧使真菌的OTUs和细菌的OTUs均呈降低的趋势。

**表2 放牧对土壤微生物OTUs的影响**

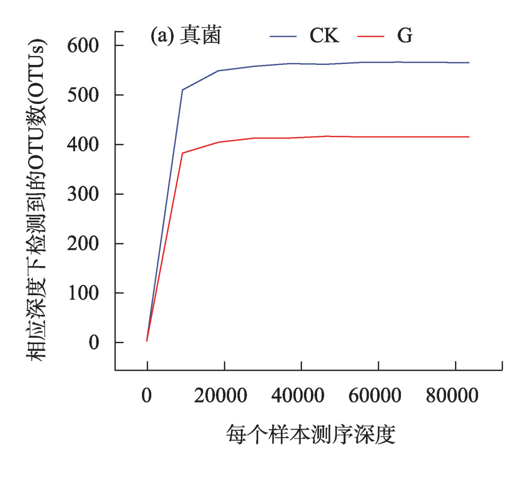
**Tab. 2 Effects of grazing on soil microbial OTUs**

| 土壤微生物 | 处理 | OTUs | 交并集 | 相似度/% |
|---|---|---|---|---|
| 真菌 | CK | 1451 | 585 | 24.6 |
| | G | 929 | – | – |
| 细菌 | CK | 14388 | 4272 | 17.1 |
| | G | 10597 | – | – |

2.1.2 *放牧与围封土壤微生物的稀疏曲线* 稀疏曲线可以反映出在当前测序深度下各样本内的微生物种类组成。通过真菌和细菌的稀疏曲线(图1)可以看出，相同的测序深度下，OTU数均为放牧小于围封，说明放牧的微生物多样性低于围封。在本研究中当序列数量达到20000后各稀疏曲线均逐渐平缓，也说明测序数量充足，取样科学，可以较准确地反映真菌和细菌群落的组成。

2.1.3 *放牧与围封土壤微生物的各分类水平类群分布* 从表3可以看出，在各个分类水平下，围封和放牧真菌的类群数均为放牧小于围封，并且围封与放牧类群数均在属水平最大，分别为116.4和88.8。对于细菌而言，在各水平下仍为放牧小于围封，围封与放牧类群数仍然在属水平最大，分别为371.6和332.6，不同的是细菌属水平的类群数放牧显著低于围封($P<0.05$)。

2.1.4 *放牧与围封土壤微生物的门水平类群分布* 从图2可以看出，将无法识别的类群归为其他(9.97%~11.47%)，放牧和围封样地各样本中可读取的真菌门水平类群共有10个，分别是子囊菌门Ascomycota(37.34%~47.05%)、担子菌门Basidiomycota(28.21%~44.99%)、被孢霉门Mortierellomycota(5.88%~14.23%)、球囊菌门Glomeromycota(0.1%~0.38%)、壶菌门Chytridiomycota(0.05%~0.1%)、毛霉菌门Mucoromycota(0.05%~0.05%)、Calcarisporiellomycota(0.03%~0.04%)、油壶菌门Olpidiomycota(0.01%~0.02%)、梳霉门Kickxellomycota(0.01%~0.01%)、罗兹菌门Rozellomycota(0.00%~0.01%)。其中，优势菌门为子囊菌门、担子菌门和被孢菌门，3个类群占比超过了80%。由于放牧，子囊菌门和被孢菌门的相对丰度升高，但不显著($P>0.05$)，而



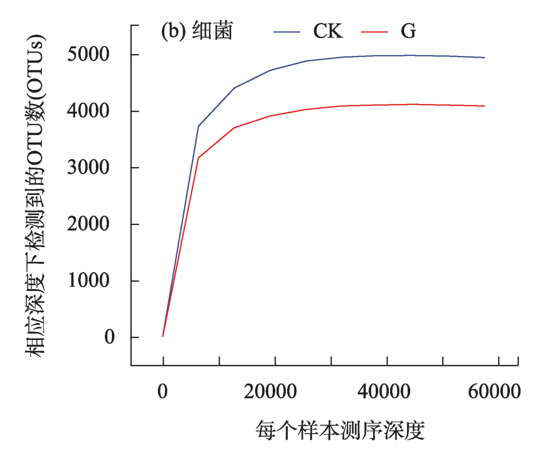




图1 稀疏曲线

Fig. 1 Sparse curve

表3　各分类水平微生物类群数统计

Tab. 3　Statistical of microbial groups at different taxonomic levels

| 土壤微生物 | 处理 | 界 | 门 | 纲 | 目 | 科 | 属 | 种 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 真菌 | CK | 1 | 7.6±0.89a | 20.6±3.97a | 47.4±7.77a | 78.8±13.18a | 116.4±26.88a | 101.2±26.24a |
| | G | 1 | 7.2±0.84a | 18.8±2.17a | 40.6±3.51a | 64.2±5.45a | 88.8±10.38a | 74.6±10.41a |
| 细菌 | CK | 1 | 26.8±2.59a | 76.0±5.24a | 159.4±10.06a | 250.0±11.92a | 371.6±25.14a | 99.8±18.78a |
| | G | 1 | 25.8±2.17a | 74.0±2.92a | 151.8±9.83a | 233.2±12.89a | 332.6±20.39b | 83.0±11.16a |

注:同一列不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。

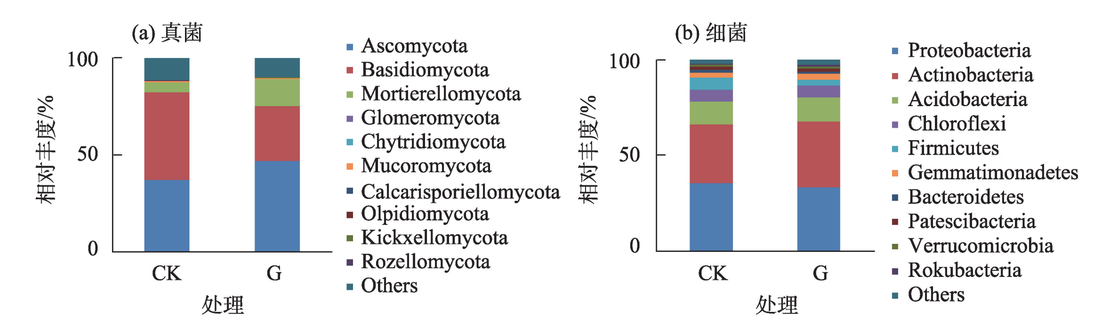



图2　放牧和围封样地土壤微生物门水平类群分布

Fig. 2　Distribution of soil microbial phyla horizontal groups in grazing and enclosed plots

担子菌门的相对丰度显著降低($P<0.05$)。

无法识别的类群其他占1.99%~2.57%。可读取的细菌门水平类群共10个,分别是变形菌门Proteobacteria(33.21%~35.51%)、放线菌门Actinobacteria(30.44%~34.74%)、酸杆菌门Acidobacteri(12.07%~12.23%)、绿弯菌门Chloroflexi(6.25%~6.65%)、厚壁菌门Firmicutes(3.13%~6.30%)、芽单胞菌门Gemmatimonadetes(2.46%~2.76%)、拟杆菌门Bacteroidetes(0.98%~1.86%)、髌骨细菌门Patescibacteria(1.07%~1.59%)、疣微菌门Verrucomicrobia(1.11%~1.43%)、棒状杆菌门Rokubacteria(0.79%~0.87%)。其中,优势菌门为变形菌门、放线菌门和酸杆菌门,相对丰度超过80%。放牧相比于围封,变形菌门和酸杆菌门的相对丰度降低,放线菌门的相对丰度升高,且均不显著($P>0.05$)。

2.1.5 放牧与围封土壤微生物的非度量多维尺度分析　图3是基于Bray距离的非度量多维度尺度(NMDS)分析,结果表明沙地樟子松人工林放牧和围封样地样本间距离较远,说明放牧和围封样地土壤真菌和细菌群落结构存在差异(真菌:stress=0.065;

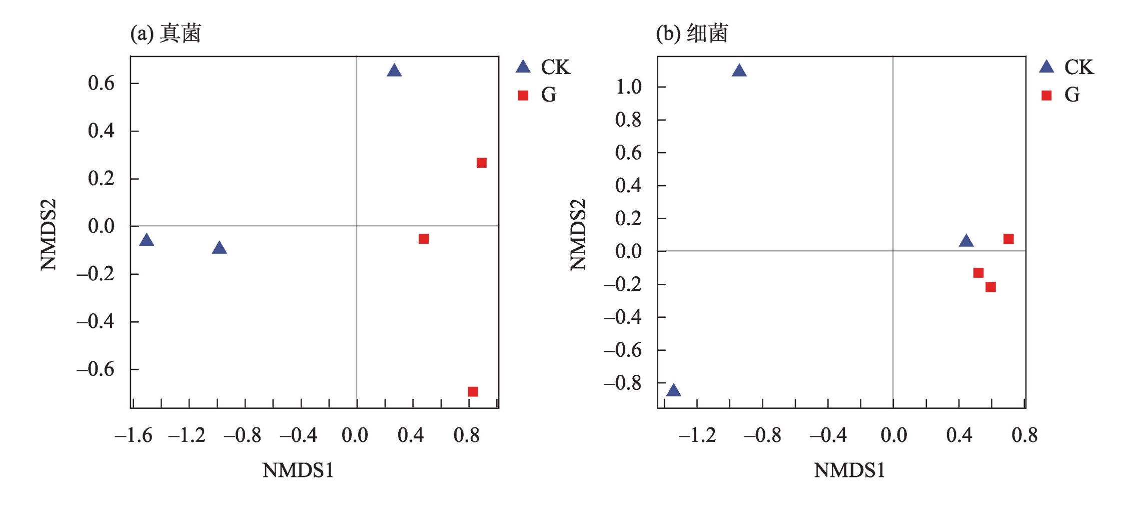



图3　土壤微生物群落非度量多维尺度分析

Fig. 3　Non-metric multidimensional scaling analysis of soil microbial communities

细菌：stress=0.0707）。

2.1.6 放牧与围封土壤微生物的多样性指数　由表4可以看出，放牧之后沙地樟子松林土壤真菌的Chao1指数、Shannon指数呈减少趋势，Simpson指数呈增加趋势，但未形成显著差异（$P>0.05$）。放牧极显著降低了土壤细菌的Chao1指数和Shannon指数（$P<0.01$），Simpson指数同样是放牧小于围封，但差异不显著（$P>0.05$）。

表4　放牧对沙地樟子松土壤微生物多样性的影响

**Tab. 4　Effects of grazing on soil microbial diversity of *Pinus sylvestris* var. *Mongolica* in sandy land**

| 土壤微生物 | 指数 | 处理 | |
|---|---|---|---|
| | | CK | G |
| 真菌 | Chao1 | 562.92±57.90a | 408.99±112.45a |
| | Shannon | 5.59±1.37a | 5.54±0.50a |
| | Simpson | 0.91±0.08a | 0.93±0.03a |
| 细菌 | Chao1 | 4865.30±235.67A | 3825.13±84.13B |
| | Shannon | 10.80±0.08A | 10.48±0.05B |
| | Simpson | 1.00±0.00a | 1.00±0.00a |

注：同一行不同小写字母表示差异显著（$P<0.05$），不同大写字母表示差异极显著（$P<0.01$）。

### 2.2　放牧对土壤养分的影响

2.2.1 放牧对土壤养分显著性分析　从表5可以看出，放牧和围封样地之间土壤养分的差异，放牧土壤中全磷的含量显著低于围封（$P<0.05$）；土壤中的有机碳、全氮含量等均为放牧低于围封（$P>0.05$）；铵态氮、硝态氮以及有效磷含量均为放牧高于围封样地，但没有显著差异（$P>0.05$）。

2.2.2 土壤养分间的相关性分析　表6对土壤养分之间进行了相关性分析，可以看出有机碳含量与全氮、全磷含量呈显著正相关（$P<0.05$）。硝态氮与有效磷呈极显著正相关（$P<0.01$），其余养分之间相关性并不显著（$P>0.05$）。

### 2.3　放牧与围封土壤微生物多样性与土壤养分的冗余分析

真菌多样性指数与土壤养分的RDA排序结果如图4a所示，两轴的累计贡献率为69.26%，表明真菌的多样性指数和土壤养分显著相关，土壤有机碳（$r$=−0.889）在第一轴相关性较大，第一轴的贡献率为62.13%。

细菌多样性指数与土壤养分的RDA排序结果如图4b所示，两轴的累计贡献率为84.34%，表明细菌的多样性指数和土壤养分显著相关，土壤硝态氮（$r$=0.815）、土壤全磷（$r$=−0.89）、土壤有效磷（$r$=0.849）、土壤有机碳（$r$=−0.838）、土壤全氮（$r$=−0.863）在第一轴相关性较大，第一轴的贡献率为74.81%。

## 3　讨 论

### 3.1　放牧对土壤微生物群落的影响

放牧行为会对土壤微生物群落造成不同程度的直接影响和间接影响[14]。土壤微生物群落结构的变化强烈影响着生态系统功能[15-16]。微生物多样性可以反映群落组成的差异以及均匀性，同时也可以反映出土壤微生物群落功能的多样性[17]。本研究中，2种处理的OTUs数均为细菌高于真菌，微生物的相似度为17.1%~24.6%，并且真菌与细菌的OTUs数均为放牧少于围封，这与杨阳等[10]的研究结果一致。在放牧与围封样地中土壤真菌的优势菌门为子囊菌门、担子菌门和被孢菌门；细菌的优势菌门为变形菌门、放线菌门和酸杆菌门。其中，真菌担子菌门的相对丰度由于放牧显著降低，对真菌和细菌的其他门类群的影响均不明显，担子菌门对于环境变化比较敏锐，长期的双核分裂状态导致其生长缓慢[18]，因此担子菌门可以指示环境的干扰，担子菌门的主要功能是分解植物木质化残渣[19]，放牧行为导致植物及残渣减少，因而导致担子菌门相对

表5　放牧对土壤养分的影响

**Tab. 5　Effects of grazing on soil nutrients**

| 处理 | 有机碳 SOC/(g·kg$^{-1}$) | 全氮 TN/(g·kg$^{-1}$) | 铵态氮 $NH_4^+$-N/(mg·kg$^{-1}$) | 硝态氮 $NO_3^-$-N/(mg·kg$^{-1}$) | 全磷 TP/(mg·kg$^{-1}$) | 有效磷 AP/(mg·kg$^{-1}$) |
|---|---|---|---|---|---|---|
| G | 10.28±0.25a | 0.88±0.06a | 8.76±0.9a | 3.28±0.29a | 30.73±3.80b | 3.89±0.32a |
| CK | 12.35±1.04a | 0.98±0.1a | 8.21±0.97a | 2.45±0.22a | 56.56±5.34a | 3.02±0.32a |

注：同一列不同小写字母表示差异显著（$P<0.05$）。

表6　土壤养分相关性分析

Tab. 6　Correlation analysis of soil nutrients

| | 有机碳SOC | 全氮TN | 铵态氮 $NH_4^+-N$ | 硝态氮 $NO_3^--N$ | 全磷TP | 有效磷AP |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 有机碳SOC | 1 | – | – | – | – | – |
| 全氮TN | 0.856* | 1 | – | – | – | – |
| 铵态氮 $NH_4^+-N$ | −0.177 | −0.204 | 1 | – | – | – |
| 硝态氮 $NO_3^--N$ | −0.458 | −0.047 | −0.130 | 1 | – | – |
| 全磷TP | 0.866* | 0.708 | −0.177 | −0.686 | 1 | – |
| 有效磷AP | −0.310 | 0.003 | 0.097 | 0.922** | −0.638 | 1 |

注:*表示 $P<0.05$,**表示 $P<0.01$。

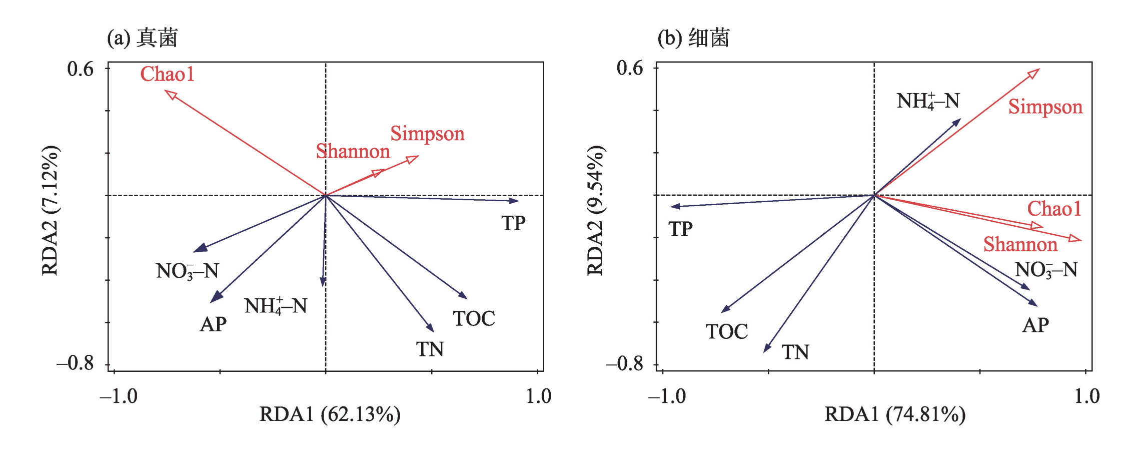



图4　微生物多样性指数与土壤养分的RDA分析

Fig. 4　RDA analysis of microbial diversity index and soil nutrients

丰度降低,这与丁成翔等[9]的研究结果一致。放牧极显著降低了细菌的Chao1指数和Shannon指数,增加了Simpson指数;对真菌群落多样性无明显影响。可能是由于放牧使微生物物种数减少,多样性降低,生物竞争相对弱化,从而提高了均匀度。Wang等[20]研究发现,在海拔3200 m,放牧的微生物多样性指数均低于围封,这与本研究结果相似。尹亚丽等[21]的研究发现,放牧对细菌多样性的影响不明显,但真菌Simpson和Shannon指数显著降低。而本研究结果显示,放牧对真菌群落的多样性影响有限,而土壤细菌对放牧的响应更加显著,可能由诸多原因造成,例如海拔、气候、土地类型和植被组成等均可能引起多样性发生变化[22-23]。

### 3.2　放牧对土壤养分的影响

放牧是人工林管理的重要影响因子,影响着该地区植被状况、物质循环以及养分的储存;放牧种类、放牧强度、放牧时间等均会对微生物群落和土壤养分产生影响[24]。土壤有机质可以评价土壤肥力,有助于各生物的生长发育。气候、管理方式、植被和土壤等因素均会影响有机质的转化[25]。本试验研究了2种处理方式间土壤养分的差异,由于放牧,土壤全磷含量显著降低,说明放牧不利于积累土壤中全磷含量。放牧通过改变凋落物数量和质量导致输入的磷含量减少,牲畜采食影响植被盖度和高度,进而改变土壤风蚀及水蚀过程,土壤中磷元素更易流失。有机碳和全氮含量在放牧后有所降低,但无明显差异,这与高昌宇等[11]的研究结果一致。由于动物啃食和踩踏,放牧地的初级生产力以及枯落物量降低,减少了输入地下的有机物,导致土壤中有机质含量降低。但土壤有机碳和全氮并没有显著性变化,说明放牧对土壤养分的影响长期且迟缓。本实验中放牧后铵态氮和硝态氮含量呈现增加趋势,这与杨阳等[10]的研究结果相同,速效养分的增加或许是由于放牧加大了土壤表层的紧实度,且牲畜的粪便尿液等的输入,在一定程度上增加了表层土壤的速效养分。

放牧过程中动物啃食、踩踏行为和粪便均对土壤养分产生影响,土壤中的微生物群落会随着土壤

状况的改变产生变化，土壤微生物经过腐殖化和矿化作用控制着有机质的分解并且调节土壤养分的可用性[26-28]，二者相互影响。本研究表明，土壤养分解释了69.26%和84.34%的真菌和细菌多样性的变化，说明土壤微生物群落多样性与养分之间相关性很大。真菌Chao1指数与有机碳含量呈显著负相关，凋落物和根系分泌物等是真菌利用的主要基质，也是有机碳分解和积累的主要来源[29]，真菌会通过消耗有机碳来满足自身的生长需求。细菌Shannon指数与硝态氮、有效磷呈显著正相关，或许是因为牲畜的频繁踩踏导致土壤更加紧实，氧气含量也更低，减缓了细菌对速效成分的分解速率[30]。近年来由于生物技术不断进步，生物多样性的研究日益丰富，而微生物量的测定技术已较为成熟，大量学者已经采用了该技术开展研究[4,7]，本研究后续应结合微生物量等指标继续研究放牧对土壤微生物的影响，为该地区樟子松人工林的可持续管理提供科学依据。

## 4 结 论

放牧极显著降低了细菌的Chao1指数和Shannon指数（$P<0.01$），对真菌群落多样性无明显影响（$P>0.05$）；从土壤微生物群落组成上来看，真菌分类学门水平中担子菌门比例放牧显著低于围封（$P<0.05$），但对细菌门水平并未产生显著影响（$P>0.05$）。对于土壤养分而言，放牧显著降低了全磷含量（$P<0.05$），也降低了土壤有机碳和全氮含量，但无显著差异（$P>0.05$）。可见，沙地樟子松林的放牧行为对土壤养分及土壤微生物均有不同程度的负面影响，所以该地区应适度减少放牧行为，缓解土地压力，以保障樟子松人工林的可持续利用。

**参考文献(References)：**


[1] 于东伟, 雷泽勇, 赵国军, 等. 樟子松固沙林土壤理化特性对林分密度的响应[J]. 干旱区研究, 2020, 37(1): 134−141. [Yu Dongwei, Lei Zeyong, Zhao Guojun, et al. Response of soil physico-chemical properties under stand-fixation forest of *Pinus sylvestris* var. *mongolica* to stand density[J]. Arid Zone Research, 2020, 37(1): 134−141. ]

[2] 石柯, 董士刚, 申凤敏, 等. 小麦播量与减氮对潮土微生物量碳氮及土壤酶活性的影响[J]. 中国农业科学, 2019, 8(15): 2646−2663. [Shi Ke, Dong Shigang, Shen Fengmin, et al. Effects of wheat seeding rate with nitrogen fertilizer application reduction on soil microbial biomass carbon, nitrogen and enzyme activities in fluvo-aquic soil in Huang-Huai Plain[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2019, 8(15): 2646−2663. ]

[3] Liu T, Wu X, Li H , et al. Soil organic matter, nitrogen and pH driven change in bacterial community following forest conversion-Science Direct[J]. Forest Ecology and Management, 2020, 477: 118473.

[4] 周恒, 周会程, 肖海龙, 等. 三江源不同海拔高寒草原表层土壤酶活性特征[J]. 草原与草坪, 2019, 3(5): 20−30. [Zhou Heng, Zhou Huicheng, Xiao Hailong, et al. Characteristics of enzyme activity in surface soil of alpine steppe under different altitudes on Qinghai-Tibetan Plateau [J]. Grassland and Turf, 2019, 3(5): 20−30. ]

[5] 马源, 李林芝, 张德罡, 等. 退化高寒草甸优势植物根际与非根际土壤养分及微生物量的分布特征[J]. 草地学报, 2019, 27(4): 797−804. [Ma Yuan, Li Linzhi, Zhang Degang, et al. Distribution characteristics of nutrients and microbial biomass in rhizosphere and non-rhizosphere soils of dominant plants in degraded alpine meadow[J]. Acta Agrestia Sinica, 2019, 27(4): 797−804. ]

[6] 亓琳, 李艳玲, 赵威, 等. 锶污染下燕麦对土壤酶活性和微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2017, 38(13): 4888−4896. [Qi lin, Li Yanling, Zhao Wei, et al. Effect of *Avena sativa* L. on soil enzyme activity and microbe functional diversity under strontium pollution [J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, 38(13): 4888−4896. ]

[7] 郭辉, 唐卫平. 不同林龄华北落叶松根际与非根际土壤酶和土壤微生物研究[J]. 环境生态学报, 2020, 29(11): 2163−2170. [Guo Hui, Tang Weiping. Enzyme activity and microbial community diversity in rhizosphere and non-rhizosphere soil of *Larix principis- rupprechtii*[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2020, 29 (11): 2163−2170. ]

[8] 于德良, 雷泽勇, 张岩松, 等. 沙地樟子松人工林土壤酶活性及其影响因子[J]. 干旱区研究, 2019, 2(3): 621−629. [Yu Deliang, Lei Zeyong, Zhang Yansong, et al. Soil enzyme activity and its affecting factors under *Pinus sylvestris* var. *mongolica* plantation in sandy land [J]. Arid Zone Research, 2019, 2(3): 621−629. ]

[9] 丁成翔, 杨晓霞, 董全民. 青藏高原高寒草原放牧方式对植被、土壤及微生物群落的影响[J]. 草地学报, 2020, 28(1): 159−169. [Ding Chengxiang, Yang Xiaoxia, Dong Quanmin. Effects of grazing patterns on vegetation, soil and microbial community in alpine grassland of Qinghai-Tibetan Plateau[J]. Acta Agrestia Sinica, 2020, 28(1): 159−169. ]

[10] 杨阳, 贾丽欣, 乔荠瑢, 等. 重度放牧对荒漠草原土壤养分及微生物多样性的影响[J]. 中国草地学报, 2019, 41(4): 72−79. [Yang Yang, Jia Lixin, Qiao Qirong, et al. Effects of heavy grazing on soil nutrients and microbial diversity in desert steppe[J]. Chinese Journal of Grassland, 2019, 41(4): 72−79. ]

[11] 高昌宇, 齐志远, 郑慧, 等. 土壤有效养分和微生物特征对短期不同放牧强度的响应[J]. 草地学报, 2022, 30(7): 1641−1650. [Gao Changyu, Qi Zhiyuan, Zheng Hui, et al. Responses of soil available nutrients and microbial characteristics to short-term grazing intensities[J]. Acta Agrestia Sinica, 2022, 30(7): 1641−1650. ]

[12] 马香云, 王俊杰. 放牧对人工草地群落特征及土壤养分的影响[J]. 草原与草业, 2019, 31(4): 19−26. [Ma Xiangyun, Wang Junjie. Effects of grazing on community characteristics and soil nutrients of artificial grassland[J]. Grassland and Prataculture, 2019, 31 (4): 19−26. ]

[13] 祁正超, 常佩静, 李永善, 等. 放牧对荒漠灌丛草地土壤团聚体组成及其稳定性的影响[J]. 干旱区研究, 2021, 38(1): 87−94. [Qi Zhengchao, Chang Peijing, Li Yongshan, et al. Effects of grazing intensity on soil aggregates compositi, stability, nutrients and C/N in desert shrubland [J]. Arid Zone Research, 2021, 38(1): 87−94. ]

[14] Thomas W, Stephen M, Daniel S, et al. Biotic interactions mediate soil microbial feedbacks to climate change[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2015, 112(22): 7033−7038.

[15] Fanin N, Gundale M J, Farrell M, et al. Consistent effects of biodiversity loss on multifunctionality across contrasting ecosystems[J]. Nature Ecology and Evolution, 2018, 2: 269−278.

[16] M Delgado-Baquerizo, Giaramida L, Reich P B, et al. Lack of functional redundancy in the relationship between microbial diversity and ecosystem functioning[J]. Journal of Ecology, 2016, 104(4): 936−946.

[17] Tian C, Chen J, Yang Z. Phylogenetic diversity of microbes and its perspectives in conservation biolog[J]. Plant and Soil, 2016, 407 (1): 1−15

[18] Osono T. Ecology of ligninolytic fungi associated with leaf litter decomposition[J]. Ecological Research, 2007, 22(6): 955−974.

[19] Lienhard P, Terrat S, Prévost-Bouré N C, et al. Pyrosequencing evidences the impact of cropping on soil bacterial and fungal diversity in Laos tropical grassland[J]. Agronomy for Sustainable Development, 2014, 34(2): 525−533.

[20] Wang M, Wang S, Wu L, et al. Evaluating the lingering effect of livestock grazing on functional potentials of microbial communities in Tibetan grassland soils[J]. Plant and Soil, 2016, 407: 385−399.

[21] 尹亚丽, 王玉琴, 李世雄, 等. 围封对退化高寒草甸土壤微生物群落多样性及土壤化学计量特征的影响[J]. 应用生态学报, 2019, 30(1): 127−136. [Yin Yali, Wang Yuqin, Li Shixiong, et al. Effects of enclosing on soil microbial community diversity and soil stoichiometric characteristics in a degraded alpine meadow[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2019, 30(1): 127−136. ]

[22] 杜宇凡, 古琛, 王亚婷, 等. 放牧率对短花针茅根际和非根际土壤氮素的影响[J]. 草业科学, 2016, 33(6): 1021−1027. [Du Yufan, Gu Chen, Wang Yating, et al. Effects of grazing on nitrogen contents in rhizosphere and non-rhizosphere soil of *Stipa breviflora* [J]. Pratacultural Science, 2016, 33 (6): 1021−1027. ]

[23] Li Y, Wang S, Jiang L, et al. Changes of soil microbial community under different degraded gradients of alpine meadow[J]. Agriculture, Ecosystems & Environmen, 2016, 222: 213−222.

[24] 王天乐, 卫智军, 刘文亭, 等. 不同放牧强度下荒漠草原土壤养分和植被特征变化研究[J]. 草地学报, 2017, 25(4): 711−716. [Wang Tianle, Wei Zhijun, Liu Wenting, et al. Study on changes of soil nutrients and plant community of *Stipa breviflora* steppe under different grazing intensities[J]. Acta Agrestia Sinica, 2017, 25 (4): 711−716. ]

[25] Mcsherry M E, Ritchie M E. Effects of grazing on grassland soil carbon: a global review[J]. Global Change Biology, 2013, 19(5): 1347−1357.

[26] Ashworth A J, Debruyn J M , Allen F L, et al. Microbial community structure is affected by cropping sequences and poultry litter under long-term no-tillage[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2017, 114: 210−219.

[27] Walker T, Christina K, Florian S, et al. Microbial temperature sensitivity and biomass change explain soil carbon loss with warming [J]. Nature Climate Change, 2018, 8: 885−889.

[28] 侍世玲, 任晓萌, 张晓伟, 等. 库布齐沙漠沙枣防护林土壤养分及化学计量特征[J]. 干旱区研究, 2022, 39(2): 469−476. [Shi Shiling, Ren Xiaomeng, Zhang Xiaowei, et al. Soil nutrients and stoichiometric characteristics of the *Elaeagnus angustifolia* shelterbelt in the Hobq Desert[J]. Arid Zone Research, 2022, 39(2): 469−476. ]

[29] 王利彦, 周国娜, 朱新玉, 等. 凋落物对土壤有机碳与微生物功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2021, 41(7): 2709−2718. [Wang Liyan, Zhou Guona, Zhu Xinyu, et al. Effects of litter on soil organic carbon and microbial functional diversity[J]. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(7): 2709−2718. ]

[30] 杨思维, 张德罡, 牛钰杰, 等. 短期放牧对高寒草甸表层土壤入渗和水分保持能力的影响[J]. 水土保持学报, 2016, 30(4): 96−101. [Yang Siwei, Zhang Degang, Niu Yujie, et al. Effect of short-term grazing on surface soil infiltration and soil water retention in alpine meadow[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2016, 30(4): 96−101. ]

# Effects of grazing on soil nutrients and microbial community of *Pinus sylvestris* var. *mongolica* forest in sandy land

ZHANG Tong[1,2], LIU Jing[1,2], HAN Xu[1,2], TONG Yuqiang[1,2], WEI Yawei[1,2]

(1. College of Forestry, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, Liaoning, China;
2. Research Station of Liaohe-River Plain Forest Ecosystem, Chinese Forest Ecosystem Research Network, Changtu 112500, Liaoning, China)

**Abstract:** A grazing and enclosed *Pinus sylvestris* var. *mongolica* forests in sandy land was selected to explore the effects of grazing on soil nutrients and microbial communities. The microbial community composition and diversity between grazing and enclosed soil was determined using high-throughput sequencing technology. Soil chemical indexes were determined for estimating variation in the nutrients. The results showed that total phosphorus content decreased significantly after grazing ($P < 0.05$). Soil organic carbon and total nitrogen content also decreased, while ammonium nitrogen, nitrate nitrogen, and available phosphorus increased, but the change was not significant ($P > 0.05$). The grazing and enclosed plots showed 17.1%−24.6% similarity in the soil microbial community composition and the OTUs of fungi and bacteria were lower in grazing than enclosed plots. At each classification level, the number of fungi and bacteria in grazing plots was less than that in enclosed plots. Results showed grazing significantly reduced the number of bacteria at the genus level($P < 0.05$). The proportion of basidiomycetes in grazing was significantly lower than that in enclosure ($P < 0.05$). No significant indigenous effect on bacterial phylum level ($P > 0.05$) was observed. In terms of soil microbial diversity, grazing significantly reduced the Chao1 index and Shannon index of bacteria ($P < 0.01$), and had no significant effect on fungal community diversity ($P > 0.05$). The effect of grazing on soil bacterial diversity index was greater than that of fungi. In summary, grazing in the *Pinus sylvestris* var. *mongolica* forest in sandy land has different degrees of negative impacts on soil nutrients and soil microorganisms. Therefore, the grazing should be moderately reduced in this region to alleviate land pressure and ensure the sustainable utilization of the *Pinus sylvestris* var. *mongolica* plantation.

**Keywords:** sandy *Pinus sylvestris* var. *mongolica*; grazing; soil nutrients; soil microorganism